

MDR Aktuell – Kekulé's Corona-Kompass

Donnerstag, 13. Juli 2023

#353

Jan Kröger, Moderator

MDR Aktuell – Das Nachrichtenradio

Prof. Dr. med. Dr. rer. nat. Alexander S. Kekulé, Experte

Professor für Medizinische Mikrobiologie Virologie an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg sowie Direktor des Instituts für Biologische Sicherheitsforschung in Halle

Links zur Sendung:

„Lancet“-Aufruf zur Unterstützung der chinesischen Mediziner (19.02.2020)

[https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30418-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30418-9)

Daten vom „Huanan Seafood Market“ in Wuhan (05.04.2023)

<https://doi.org/10.1038/s41586-023-06043-2>

Studie von Worobey et al. zum Markt in Wuhan (26.07.2022)

<https://doi.org/10.1126/science.abp8715>

WHO-Bericht zum Ursprung der Pandemie (30.03.2021) <https://www.who.int/publications/i/item/who-convoked-global-study-of-origins-of-sars-cov-2-china-part>

Studie zur Verbreitung des Virus von Norditalien aus (06.04.2022)

<https://doi.org/10.1038/s41598-022-09738-0>

Dänische Studie zu Nebenwirkungen unterschiedlicher Biontech-Chargen (30.03.2023)

<https://doi.org/10.1111/eci.13998>

Donnerstag, 13. Juli 2023

Zum letzten Mal vor unserer Sommerpause besprechen wir Aktuelles zur Corona-Pandemie. Wie vor zwei Wochen angekündigt, wollen wir heute einen Schwerpunkt setzen: Ist SARS-CoV-2 natürlichen Ursprungs oder stammt es aus dem Labor? Die Frage nach dem Ursprung der Pandemie ist in den letzten Wochen wieder heftig diskutiert worden. Wir tragen ausführlich zusammen, was inzwischen bekannt ist und was noch immer nicht.

Und es geht um Daten aus Dänemark, die auch vielen unserer Hörerinnen und Hörer aufgefallen sind. Es geht um Nebenwirkungen des BioNtech-Impfstoffs. Und diesen dänischen Daten zufolge gab es da massive Unterschiede zwischen den einzelnen Impfstoff-Chargen. Was ist da dran?

Das sind die Themen in der 353. Folge von Kekulé's Corona-Kompass wie immer werbefrei in der App der ARD Audiothek und überall dort, wo es sonst noch Podcasts gibt.

1:01

Jan Kröger

Wir wollen Orientierung geben. Ich bin Jan Kröger, Reporter und Moderator beim Nachrichtenradio MDR Aktuell. Jeden zweiten Donnerstag haben wir einen Blick auf die aktuellen Entwicklungen rund um das Coronavirus. Und wir beantworten Ihre Fragen. Das tun wir mit dem Virologen und Epidemiologen Professor Alexander Kekulé. Hallo, Herr Kekulé.

Alexander Kekulé

Hallo, Herr Kröger.

Jan Kröger

Herr Kekulé, unser Schwerpunkt heute wird die Frage sein: Wo hat die Pandemie ihren Ursprung? Das haben wir auch in unseren letzten Folgen schon immer wieder behandelt. Es gab die Äußerungen von Gao Fu, dem früheren Vorsitzenden des China-CDC, der chinesischen Seuchenschutzbehörde, man solle keine Möglichkeit ausschließen, was man so ein bisschen als Sensation einstufen konnte, weil es eben ein chinesischer ehemaliger Offizieller gesagt hat. Es gab die Geheimdienstberichte in den USA darüber, die davon ausgehen, dass die Laborthese wohl wahrscheinlich sei. Und es gab mittlerweile auch veröffentlichte Informationen der US-Geheimdienste, die eben auch auf Betreiben des US-Präsidenten veröffentlicht worden sind. Wenn wir es noch mal zusammenfassen, was so in den letzten Wochen herausgekommen ist wie ordnen Sie das ein?

Alexander Kekulé

Ich glaube, es war hauptsächlich ein Medienrummel. Natürlich war das ein gewisses Ereignis, dass der ehemalige Chef der chinesischen Gesundheitsbehörde, also China-CDC, Gao Fu, dass der in einem BBC-Interview sich relativ offen geäußert hat. Das liegt wohl daran, dass er

inzwischen nicht mehr Chef der CDC dort ist. Keiner weiß genau, warum. Also zu alt wäre er eigentlich nicht, sondern er hat einen anderen Posten bekommen, und von dort aus ist er eher so rein wissenschaftlich tätig und hat aus dieser wissenschaftlichen Perspektive eben vor allem so eine allgemeine Bemerkung gemacht, die haben wir ja damals auch zitiert, dass er sagte, man muss in alle Richtungen gucken, als Wissenschaftler. Man darf nichts ausschließen von vornherein. Das ist aus Sicht eines Wissenschaftlers ein total allgemeiner Satz. Aber wenn das natürlich so ein ehemaliger chinesischer Funktionär sagt, dann haben viele da reingelesen, oh, der deutet jetzt an, es gibt doch, sage ich mal, auch in China möglicherweise Überlegungen Richtung Laborthese. Ich würde es überhaupt nicht so auswerten. Und dann kam eben dazu, dass das Wall Street Journal eine große Welle gemacht hat, weil sie rausgefunden haben wollten, wer die Wissenschaftler waren, die kurz vor Weihnachten 2019 so eine corona-ähnliche Erkrankung bekommen haben. Das war dann so, dass sich herausstellte, dass die wohl auch in dem Labor von Shi Zhengli gearbeitet haben, also von der Virologin, die als sogenannte „Batwoman“ berühmt-berüchtigt wurde und in deren Laboren eben diese Coronaviren gezüchtet wurden, vorhanden waren. Und hat man gesagt, oh weh, das waren also genau die aus diesem Labor, die damals eine Erkältung hatten. Da habe ich ja auch schon mal kommentiert, also, dass jemand vor Weihnachten irgendwo erkältungsähnliche Symptome hat, deutet nicht unbedingt darauf hin, dass da gerade eine Seuche ausgebrochen ist, sodass ich meine, es ist von den Medien ein bisschen gehypet worden. Und dann kamen eben diese sogenannten Geheimdienstberichte. Es war Joe Biden, der die dann freigegeben hat. Ich weiß gar nicht, ob freiwillig oder ob das irgendwie eingeklagt wurde. Auf jeden Fall haben die dann ziemlich klar gesagt, dass diese Berichte über die erkrankten Wissenschaftler nicht so zu deuten sind, dass das die Patienten Zero der Pandemie waren, wie das einige Medien weltweit aufgegriffen haben. Auch in Deutschland, also unterm Strich, sage ich jetzt mal, die Diskussion ist wieder in vollem Gange. Die wird wahrscheinlich auch uns noch viele Jahre beschäftigen, weil das natürlich eine offene Wunde ist, nach dieser Pandemie und auch im Blick auf die

nächste Pandemie. Man kann noch mal zusammenfassen, was für welche Theorie spricht. Aber leider gibt es immer noch keine Lösung am Horizont.

Jan Kröger

Und genau das werden wir machen. Das Für und Wider jeder einzelnen Theorie. Wir haben die Laborthese, wir haben die These des natürlichen Ursprungs und ein bisschen ein Randaspekt, den wir aber auch noch kurz streifen werden, ist auch der Vorwurf, dass das auf andere Weise künstlich ausgelöst worden sein könnte, diese Pandemie. Wir fangen vielleicht aber mal mit einem Blick auf die Chronologie an. Wie war der Ablauf am Anfang? Wenn Sie sich auch noch einmal zurückerinnern, ich weiß, wir beim Nachrichtenradio haben am 31. Dezember 2019 erstmals über eine interessante mysteriöse Krankheit in Wuhan gemeldet. Aber was haben Sie wahrgenommen, damals?

Alexander Kekulé

Ja, das ist also aus meiner subjektiven Perspektive der gleiche Moment. Das war ja so, dass an dem Tag China die WHO, die Weltgesundheitsorganisation, informiert hat, über eine Anhäufung von Atemwegserkrankungen, damals 27 Fälle, und gesagt haben, wir haben in Wuhan eine ungewöhnliche Häufung von Atemwegserkrankungen. Das ist dann auch sofort über die Ticker gegangen. Es gibt da so Apps, die man auf dem Handy haben kann, wo man dann, wenn man Spaß am Dauergrusel hat, irgendwie ständig berieselt wird, mit irgendwelchen Ausbrüchen, die irgendwo auf der Welt passieren. Und dieser eine, der ist dann vor allem in Hongkong wahrgenommen worden. In Hongkong haben Wissenschaftler schon aus anderen Quellen erfahren, dass da was im Gange ist, schon ein paar Tage vorher. Dann kamen diese Meldungen und deshalb kann man sagen, dass unter Fachleuten da eine gewisse Beunruhigung vorhanden war. Ich muss jetzt selber sagen, wenn Sie so wollen, mich an der Nase fassen, ich hatte damals sogar ein Gespräch mit einem Kollegen aus Hongkong. Ich habe das eher klein gehalten. Ich dachte, na ja, gut, das ist jetzt irgendetwas, was die China-CDC, wenn da was dran ist, auf jeden Fall in den Griff bekommt. Was die Welt nicht wusste, ist, dass zu dem Zeitpunkt es aus

chinesischer Sicht längst klar war, dass man einen richtigen Ausbruch hatte, von einer hochansteckenden Erkrankung. Im Nachhinein hat sich dann herausgestellt, das hat aber eben eine Weile gedauert, das ist insbesondere dann auch durch chinesische Medien interessanterweise damals aufgedeckt worden. Da gibt es die South China Morning Post, die in Hongkong erscheint und die zumindest damals noch relativ frei recherchieren konnte. Ich meine, das ist nicht mehr so sehr der Fall, inzwischen. Die haben dann eben berichtet, dass es schon damals eine Ärztin gab, in Wuhan, Dr. Zhang hieß die, also Xi Yang-Zhang, und die hat kurz nach Weihnachten, am 27.12., ein älteres Ehepaar untersucht, die beide schwer lungenkrank waren. Also richtig, wie wir heute wissen, Covid hatten. Und da hat sie im Röntgenbild – Tests gab es ja noch keine, die wurden erst später erfunden – da hatte sie im Röntgenbild festgestellt, dass die so merkwürdige Verschattungen auf der Lunge haben. Also in dem Computertomogramm sieht man das speziell. Wir nennen das milchglasähnliche Verschattungen. Also, das sieht so aus, als würde das Lungengewebe so ein bisschen zusammenfließen. Und das ist ein Bild, was für Spezialisten ziemlich eindeutig ist. Das kannte die Doktor Zhang auch deshalb, weil sie selbst schon bei dem SARS-Ausbruch von 2003 im Einsatz war. Da waren diese ganz ungewöhnlichen, aber typischen Röntgenbefunde auch da. Zusätzlich war klar, beide Eheleute hatten das, alle Tests waren negativ, also für Influenza und für alle anderen Atemwegserreger. Und darum hat die, was eigentlich eine hervorragende Leistung ist, aus dem Nichts heraus gedacht: Das stinkt irgendwie. Und dann hat sie den Sohn von den beiden einbestellt, der mit denen zusammenwohnte, auch in Wuhan. Und der war völlig gesund, kam ins Krankenhaus, mit dem hat man die gleichen computertomografischen Untersuchungen gemacht und da hat sie gesehen, Mensch, der hat genau die gleiche Symptomatik im CT, obwohl er keine Symptome hat, oder fast keine Symptome hatte. Also drei Personen aus einem Haushalt. Und am nächsten Tag kamen noch zwei oder drei weitere Personen, die gar keinen Kontakt zu den ersten hatten und die wieder die gleiche Symptomatik hatten. Und da hat eben Doktor Zhang quasi, wir reden jetzt vom 26. Dezember 2019 und vom 27. Dezember 2019,

da hat sie die Alarmglocke geläutet und hat gesagt, okay, das ist eine hochansteckende Krankheit. Das sieht aus wie SARS von 2003. Alle Leute Masken auf, Isolierstation. Die hat also eine abgetrennte Isolierstation eingerichtet für diese Leute. Das Personal wurde angewiesen – das muss man sich mal vorstellen. Bei uns wäre es unmöglich – im Klinikum zu bleiben. Die durften nicht mehr nach Hause, also maximale Sicherheitsmaßnahme, damit die niemanden anders anstecken. In China kann offensichtlich eine Chefärztin so etwas anordnen. Bei uns würden die jungen Assistenten einen Vogel zeigen, wenn der Chef so etwas will. Und dann hat die es tatsächlich geschafft, dass in diesem Setting, obwohl dann jeden Tag mehr Patienten kamen, es wurden mehr und mehr und mehr, in diesem Setting, aus diesem einen zentralen Krankenhaus in Wuhan gab es keine weiteren Ausbrüche. Es haben sich auch keine Mitarbeiter angesteckt, und das war bekannt, natürlich, so etwas läuft ja nicht heimlich ab. Und trotzdem hat China-CDC und eben die chinesische Regierung natürlich nach außen hin behauptet, das sei alles unter Kontrolle, und das sei wahrscheinlich nicht von Mensch zu Mensch übertragbar.

Jan Kröger

Das sind dann die ersten Fälle, die in Wuhan bekannt geworden sind. Und dann schauen wir vielleicht mal an den Beginn zurück, wann man angefangen hat, nach dem Ursprung dieser Fälle zu suchen. Wie gingen da die ersten Untersuchungen vonstatten?

Alexander Kekulé

Also offiziell hat China natürlich sofort Untersuchungen eingeleitet. Es ist aus heutiger Sicht, damals wussten wir das nicht so genau, bekannt, dass sofort, also noch vor Silvester wurde ein Spezialteam aus Peking dort hingeschickt, was eigentlich ungewöhnlich ist, weil dieses virologische Institut in Wuhan ist eben eines der besten Corona-Forschungsinstitute der Welt. Insbesondere, wenn es um Fledermausviren geht, ist es einfach die Nummer eins gewesen, zu der Zeit und wahrscheinlich auch bis heute noch. Die hatten also die Expertise vor Ort. Und China-CDC, also die chinesische Gesundheitsbehörde, die hat auch ein lokales Büro in Wuhan, was pikanterweise gerade kurz vorher umgezogen war und wirklich

unmittelbar neben dem berühmten Markt dann eingezogen ist, an dem die ersten Fälle dann identifiziert worden. Und dann sahen die chinesischen Untersuchungen letztlich so aus, dass sie am 1. Januar diesen Markt, wo angeblich dann die Ausbrüche waren – die haben dann gesagt, das geht von einem chinesischen Tiermarkt aus. Das war die offizielle chinesische Version, dieser sogenannte *South China Seafood Market* oder *Huanan Market*, heißt der bei denen – also *Huanan* heißt nur Südchina quasi, habe ich mir sagen lassen – und da, von diesem Markt sei das ausgegangen, und das seien unmittelbare Übertragungen vom Tier auf den Menschen und eben unklar, oder wahrscheinlich nicht von Mensch zu Mensch übertragbar. Was sie als erstes gemacht haben, ist, am 1. Januar den Markt zu schließen, um bei dieser Gelegenheit alle Tiere zu töten, die auf diesen Markt waren. Das wäre jetzt aus epidemiologischer Sicht wahrscheinlich etwas, was auch ein europäisches Gesundheitsamt wohl angeordnet hätte. Nur das Merkwürdige ist, dass sie angeblich von keinem der Tiere eine einzige Probe gezogen haben, bevor sie die gekeult haben. Und das muss man sagen, schon von Anfang an, das hat ja bis zum Himmel gestunken. Ich meine, wenn ich weiß, ich habe es zu tun, mit so einer epidemiologischen Lage, wenn ich den Verdacht habe, das Virus ist vom Tier auf den Menschen übergesprungen, was ja quasi dann genau der gleiche Ablauf wäre, wie damals 2003, als SARS ausgebrochen ist, da war es eben auch klar, dass so ein kleines Raubtier, der sogenannte Larvenroller, wohl den ersten Menschen angesteckt hat. Auch auf so einem *Wet Market*, also auf so einem Markt, wo lebende Tiere verkauft und dann direkt geschlachtet werden, für den Käufer, oder sogar lebend weiterverkauft werden. Wenn ich den Verdacht habe, dass dort der Ausbruch ist, dann nehme ich doch irgendwie Blutproben von diesen Tieren, oder friere ein paar Organe ein, oder so was, gerade wenn es nicht irgendwie die Polizei macht, sondern die Spezialisten, die extra aus Peking gekommen sind. Also angeblich haben die null Proben gezogen und dann erst später gesagt, da war aber China schon ziemlich unter Druck, international: Ja, wir haben da eine größere Zahl, ich glaube 380 oder sowas, Umweltproben genommen. Also, das haben sie dann wohl später

gemacht, als der Markt schon zu war. Dann haben sie Wischproben genommen, von irgendwelchen Käfigen und Maschinen und vom Boden und von Wasserhähnen usw. Aber auch von diesen Umweltproben ist jahrelang nichts bekannt geworden, was dabei rausgekommen ist und die Behauptung war einfach: Ja, das war ein Ausbruch auf dem Markt, das ist vom Tier auf den Menschen übergesprungen. Das Gleiche wie 2003. Und die Chinesen sind von dieser Theorie absolut nicht abgerückt, sodass man sagen muss, es wurde hier, ganz von Anfang an eigentlich, eine, so muss man sagen, Lügengeschichte generiert, über den Ursprung dieses Virus. Und das hat natürlich viele Menschen auf der Welt, auch wenn sie wohlwollend sozusagen den Kollegen in China gegenüberstanden, irgendwie verdächtig, nachdenklich gemacht.

13:54

Jan Kröger

Kommen wir nun aber mal auf die Theorien. Also die Laborthese einerseits, der natürliche Ursprung andererseits, als die bekanntesten Thesen, um die es geht. Wann ging das so los in der Wissenschafts-Community?

Alexander Kekulé

Also viele haben am Anfang gleich auf das Labor getippt, weil das war ja nun direkt nebenan, und man hat gemerkt, die Chinesen lügen. Nicht die Chinesen insgesamt, aber die Behörden lügen. Und es war auch so, dass man plötzlich keine Kommunikation mehr zu diesem *Wuhan Institute of Virology* hatte, die waren irgendwie von der Kommunikation merkwürdigerweise abgeschnitten. Man kann vielleicht über China positiv sagen, die haben wirklich am 11. Januar 2020, also sehr, sehr schnell die Sequenz, also die genetische Information, dieses Virus bekanntgegeben und damit zugleich die Basis für den PCR-Nachweis gemacht. Also wenn man die Informationen hat, hat man auch den PCR-Nachweis. Der ist, wenn Sie so wollen, von den Chinesen erfunden worden und sofort veröffentlicht worden, weltweit, sodass jeder auf der Welt das reproduzieren könnte. Und nur deshalb sind ja die ersten Fälle in Thailand identifiziert worden. Thailand hat ganz früh, im Januar schon, den ersten Fall am Flughafen identifiziert, mit der chinesi-

schen PCR-Methode. Das gleiche ist in Nordkorea passiert. Das gleiche ist in Japan passiert. Das waren die ersten Fälle außerhalb Chinas. Und deshalb kann man sagen, die Chinesen haben immerhin schon was sehr Positives gemacht, dass sie uns ganz frühzeitig die Möglichkeit gegeben haben, dieses Virus weltweit zu testen. Das darf man nicht unterschätzen. Das ist einfach extrem wichtig, wenn Sie so einen Ausbruch haben, dass Sie frühzeitig in der Lage sind, festzustellen, wer hat's und wer hat's nicht? Weil daran hängen ja hinten alle an die epidemischen Maßnahmen dran, wenn sie isolieren oder in Quarantäne bringen müssen. Um vor dem Hintergrund ist dann zugleich natürlich der Vorwurf erhoben worden, wieso haben die so schnell die Sequenz gehabt? Die wussten das schon länger! Kann das überhaupt so schnell gegangen sein? Das Labor in Wuhan war natürlich massiv beteiligt, an der Sequenzierung, die haben natürlich auch am Anfang den wissenschaftlichen Credit dafür bekommen, also sozusagen das Lob dafür bekommen. Und zugleich gab es dann die Leute, die gesagt haben, das könnte ja auch aus diesem Labor direkt gekommen sein, weil klar, wenn Sie eine Explosion in einer Stadt haben und diese Explosion ist jetzt zufällig neben einer bekannten Feuerwerksfabrik, ja, ich meine, jeder Feuerwehrmann, der mit Tatütata ausrückt, zu dieser Explosion und weiß, da draußen ist die Fabrik von diesen Silvestersprengkörpern, der vermutet natürlich, dass diese Fabrik in die Luft geflogen ist. Was denn sonst? Klar, kann es auch eine Gasexplosion im Haus nebenan gewesen sein. Manchmal ist es ja dann auch so. Aber so hat natürlich die ganze Welt gesagt, ja Mensch, da war also die größte Sammlung von gefährlichen Coronaviren in einem Labor. Und direkt daneben ist der Ausbruch und dieses Labor, die Leiterin hat ja auch selber im ersten Interview mal gesagt, dass sie selber sofort gedacht hat, hoffentlich ist es nicht aus unserem Labor ausgebüxt, weil das ist einfach der Reflex. Sodass diese Theorie, oder, ich möchte mal sagen, eigentlich der Vorwurf stand von Anfang an so ein bisschen im Raum. Und dagegen hat sich China ja mit ziemlich dreisten Behauptungen dagegen gewehrt. Also erstens war es komisch, dass sie angeblich keine Proben gesammelt hatten. Also ich persönlich bin sicher, dass die von den Tieren Proben gezogen haben, bevor sie sie gekeult haben, aber

wir eben nicht erfahren, was in diesen Proben drinnen war. Das war die eine Behauptung. Und das andere war eben, das dann politisch richtig gerührt wurde. Da gab es dann Äußerungen, ich meine, das war der chinesische Außenminister oder jemand aus dem Außenministerium sogar, der dann gesagt hat, das Virus ist wahrscheinlich nach China importiert worden durch einen Besuch amerikanischer Militärs, die kurz vorher mal irgendwie in diesem Labor waren, wahrscheinlich stimmt das sogar, und die hätten das irgendwie heimlich im Labor deponiert. Also so absurd waren dann die Behauptungen, an der Stelle. Und daraufhin, ist ja auch bekannt, dass Donald Trump natürlich sich hat nicht lumpen lassen, dann gleich wieder gegenauszuteilen und gesagt hat, „chinese virus“ und das wäre von den Chinesen gemacht worden. Und so ging es also von Anfang an mit sehr hohem Blutdruck hin und her, was der Aufklärung natürlich nicht wirklich gutgetan hat. Und in dieser Phase hat dann eine Gruppe von Wissenschaftlern eine Publikation, die ist ja bekannt und auch heute sehr stark in der Kritik, gemacht, in Lancet, in einem sehr renommierten Journal, wo sie dann im Februar gesagt haben, sie wollen, dass jetzt Schluss ist mit diesem *finger-pointing* nach China. Also auf keinen Fall kam das aus dem Labor. Und wer auch immer behauptet, dass wäre aus diesem Labor gekommen, auch aus Versehen aus dem Labor, im Sinne eines Unfalls, der würde sich sozusagen unmoralisch verhalten und würde der Wissenschaft schaden. Und es wurden, wie von der Kanzel in der Kirche quasi, diejenigen als Sünder dargestellt, die es wagen, diese Laborhypothese nochmal aufzustellen. Es ist bekannt, dass auch Christian Drosten aus Deutschland das mitunterschieden hat. Ich nehme an, dass er das heute nicht mehr machen würde. Und hauptsächlich angegriffen dafür, wurde Peter Daszak, der ist ein amerikanischer Wissenschaftler, der eben dummerweise, anders als Drosten, hat der ganz persönliche Verflechtungen zu diesem Labor in Wuhan gehabt, weil der Forschungsprojekte hatte, wo die Viren herstellen wollten, die genetisch scharfgemacht sind und die genauso ähnliche Eigenschaften haben sollen, wie das Pandemievirus, hatte da schon Forschungsmittel aus den USA beantragt und hat sie dann in den USA aber nicht bekommen, unter anderem wegen Sicherheitsbedenken. Und diese

Anträge sind ja später dann bekannt geworden, sodass man sagen muss, also das stinkt natürlich schon so ein bisschen, wenn jemand, der da super befangen ist, quasi dann ein Unterschreiber, oder vielleicht sogar ein Hauptinitiator eines Aufrufs ist, wo man sagt, die Laborthese kann es gar nicht sein. Und da können Sie sich vorstellen, dadurch, dass es am Anfang dann so radikale Positionen gab, die also jede für sich eigentlich nicht wirklich begründbar war, sowohl die Laborthese war nicht begründbar, als auch umgekehrt diese moralisierende Haltung, es kann auf keinen Fall das Labor sein, und alle anderen müssen den Mund halten, die so etwas Ähnliches denken. Beides stand sich dann feindlich gegenüber, und so ist es irgendwie bis heute geblieben. Also es gibt keine Veröhnung zwischen diesen Positionen.

20:13

Jan Kröger

Schließen wir vielleicht mal das Kapitel mit der Laborthese ab, die wesentlichen Argumente für deren Fürsprecher sind ja einmal natürlich diese Position des Instituts in Wuhan selber, dann diese Verflechtungen mit der *EcoHealth-Alliance*, diese *Gain-of-functions*-Experimente, die dort gemacht wurden und eben diese schlechte Kommunikationspolitik ganz am Anfang. Und die wesentlichen Quellen aktuell sind die US-Geheimdienstberichte, die die Tendenz in diese Richtung haben. Gibt es aber auch etwas von wissenschaftlicher Seite, was als Beleg oder zumindest als klares Indiz dahingehen kann?

Alexander Kekulé

Es ist nicht so, dass die amerikanischen Dienste jetzt insgesamt zur Labortheorie tendieren würden. Da gibt es ja mehrere, die arbeiten scheinbar sehr unabhängig voneinander. Es ist klar, dass das FBI einen Bericht gemacht hat, wo sie geschrieben haben, dass das die wahrscheinlichere These ist, sozusagen die Laborthese, im Gegensatz zum natürlichen Ursprung des Virus. Das stimmt. Es gibt aber andere US-Berichte, CIA und andere, die haben unabhängig davon quasi sich was ausgedacht und die sind nicht zu dem Ergebnis gekommen. Die sind zu dem Ergebnis gekommen, dass ein natürlicher Ursprung wahrscheinlicher ist. Ich würde auf diese Berichte, die natürlich in amerikanischen Medien wahnsinnig wichtig sind,

nix geben. Also ich muss sagen, ich habe die Arbeit der Geheimdienste sehr genau verfolgt, damals, als es um die Biowaffen im Irak ging. Das war da auch völliges Neuland für die Dienste und da mussten die eben klären, ob Saddam Hussein möglicherweise in der Wüste Biowaffen hat. Da hieß es dann, innerhalb von 90 Minuten seien die einsatzbereit auf irgendwelchen Interkontinentalraketen zum Einsatz. Das war aus biologischer Sicht, wenn man sich damit auskannte, völliger Unsinn. Und man hat dann auch wirklich gemerkt, dass es einfach an der spezifischen Fachexpertise bei den Diensten fehlte. Und das hat dann auch zu dem berühmten *case for war* von Colin Powell geführt, im Sicherheitsrat der Vereinten Nationen, wo man dann wirklich falsche Beweise hochgehalten hat und gesagt hat, wir haben hier Belege für Biowaffen im Irak und das war einer der Hauptgründe, warum es dann zum zweiten Irak-Krieg kam. Daher sage ich mal, selbst die Profidienste sind, wenn es um so technisch-wissenschaftliche Spezialfragen geht, überfordert, sofern sie nicht schon vorher sich mal damit beschäftigt und schon die richtigen Experten eingestellt haben. Ich bin sicher, dass die heute genug Corona-Experten angeheuert haben, aber damals war es eben so, dass die alle überfordert waren. Und ich würde mal sagen, egal, was das FBI sagt, oder der CIA, es ist nicht so, dass die irgendwelche privilegierten Superinformationen haben. Selbst wenn da immer wieder in der Washington Post oder im Wall Street Journal irgendwelche anonymen Informanten zitiert werden, die sagen, wir haben Hinweise, dass... das würde ich alles nicht überbewerten. Da ist so ein bisschen der Mechanismus: Es steht in den USA in der Zeitung, deutsche Journalisten lesen das und am nächsten Tag steht es dann in den einschlägigen Medien bei uns. Das heißt nicht, dass es richtig ist. Wissenschaftlich ist es so, Sie haben es schon gesagt, es gibt so ein paar Sachen, die sind einfach merkwürdig. Erstens, die *Location*. Das muss man ganz klar sagen. Wenn ich das jetzt aushebeln wollte, würde ich sagen, naja also, dass in Wuhan besonders viel mit Fledermausviren geforscht wurde, liegt jetzt nicht daran, dass irgendein besonderer Wissenschaftler da ist, sondern unter anderem daran, dass diese Höhlen in der Nähe sind. Also das ist diese Region, wo diese verschiedenen Höhlen sind, diese berühmten Minen von Tongguan, wo

auch ein möglicher oder angeblicher Vorläufer des SARS-CoV-2-Virus herkommen sollte. Zumindest aus Sicht mancher Verschwörungstheoretiker ist das so, und weitere Höhlen sind dort in der Nähe. Es gibt auch andere in Südchina. In Guangdong gibt es auch Höhlen, aber diese klassischen Fledermaushöhlen, wo man diese ganzen Coronaviren isoliert hat, die sind halt dort. Dann ist es aus wissenschaftlicher Sicht eben das Erstaunliche, was wir bisher nicht verstehen, wie ein Virus am Anfang schon so gut angepasst sein konnte an den Menschen. Also, das ist wirklich erstaunlich, wenn man sich das mal vorstellt: Normalerweise ist so ein Virus, was aus dem Tierreich kommt, erstmal ja in einem völlig neuen Wirt. Und da gibt es dann so Stotter-Infektionen, da ist mal ein Tierarzt krank, oder ein Tierpfleger, oder der Tierpfleger steckt dann vielleicht noch seine Frau an. Das sind so die typischen Infektionsketten, die wir bei sogenannten Zoonosen sehen, die also überspringen. Man sagt, da *Spill-Over* quasi zu, vom Tier auf den Menschen also. Das hat man aber da gar nicht beobachtet vorher, sondern, peng, plötzlich kam so ein hochinfektiöses Virus. Und ich sage mal, wenn es so gewesen wäre, dass es vorher eine längere, sage ich mal, Ausbrützeit beim Menschen gegeben hätte, also wenn dieses Virus sich sozusagen fit für die Pandemie beim Menschen gemacht hätte und nicht irgendwie vorher schon, dann hätten das meines Erachtens die chinesischen Behörden bemerkt, sodass ich fast ausschließen würde, das jetzt z. B. seit einem Jahr da ein Virus irgendwie regional getobt hat und sich dann plötzlich gezeigt hat, durch diesen Ausbruch in Wuhan, dass die eigentliche Entstehung dieses Virus, oder dieses Ausbrechen des Virus beim Menschen, ich sage mal der Patient Zero, wie man das dann nennt, dieser Pandemie, der hat nicht irgendwie ein Jahr vorher in Wuhan gelebt, sondern maximal acht Wochen vor dem Ausbruch am Markt muss das gewesen sein. Und deshalb sage ich, es war wahrscheinlich keine Anpassung des Virus im Menschen, das wäre biologisch einfach extrem unwahrscheinlich. Es muss eine andere Art von Fitmachung gewesen sein und dann sehen wir, haben wir halt vorher nie ein Coronavirus gesehen, was so einen perfekten Match hat in seiner Bindungssequenz, an diesen humanen Rezeptor. Es ist ja so, dass dieses Virus an den ACE-2-Rezeptor in

der Lunge bindet, das ist, glaube ich, inzwischen bekannt, mit einer Stelle, die heißt Rezeptorbindungsdomäne. Die ist in diesem Spike-Protein drin, in diesen Stacheln, die außen am Virus dran sind. Diese Bindung ist von Anfang an faszinierend gewesen, weil die so perfekt ist und noch eins weiter perfektioniert, dadurch, dass die eine sogenannte, der Fachausdruck dafür ist furinähnliche Schnittstelle hat. Also die heißt aus technischen Gründen furinähnlich, aber diese furinähnliche Schnittstelle ist etwas, was ein Protein in der Zelle befähigt, ein Stückchen abzuschneiden von diesem S-Protein und das erhöht die Infektiosität in Säugetieren ganz extrem, bei Coronaviren dieser Art. Das kann man sich so vorstellen, wenn Sie so einen Rezeptor haben, der hält sich an einer Zelle fest, und dann muss das Virus ja in die Zelle rein. Und ich vergleiche das immer mit einer Türklinke. Wenn Sie die nicht loslassen, bevor Sie durch die Tür durchgehen, dann werden Sie Schwierigkeiten haben, quasi reinzukommen. Und deshalb schneidet dieses Protein quasi an dieser Furin-Schnittstelle ein Stückchen ab, quasi die Hand ab, die die Tür festhält, und dadurch kann das Virus rein. Und dieser Mechanismus, den gibt es auch bei anderen Coronaviren. Aber der ist eben sehr perfekt dort. Das sind vier Aminosäuren, die da eingefügt sind. Und das haben nicht viele Coronaviren, sage ich mal. Nur wenige humanpathogene Coronaviren haben sowas. Und da hat man gesagt, Mensch, wie kann das sein, dass so eine perfekte Furinstelle plus diese perfekte Passform dieser Rezeptorbindungsdomäne... Da muss doch einer was gefummelt haben. Also das war sozusagen von der wissenschaftlichen Seite die Theorie, die jetzt nicht wenige, auch sehr prominente Wissenschaftler vertreten haben. Und es war dann auch so, dass der Verdacht gegen China, also aus meiner Sicht – wir sind jetzt dabei, gerade so die konspirative Seite anzuschauen – also, das war halt so, dass die Shi Zhengli, diese Leiterin dieses Labors, die ist dann angeblich, so, sagt sie das, nachdem sie diesen Ausbruch da erfahren hat und wusste, was da los ist, an ihre Datenbank gegangen und hat eine Virus-Sequenz wiedergefunden, sozusagen „Hoppla, da habe ich ja noch was“. Aus dem Jahr 2013, die 2013 in einer Höhle eben von Tongguan entdeckt worden sei und ich glaube auch, dass das so war. Und das ist diese berühmte Sequenz, die

heißt RaTG-13, also TG wie Tongguan, so wie diese Höhen. Und die ist in Fledermauskot dort wohl mal entdeckt worden. Man hat die Sequenz nie vollständig gehabt, die ähnelt aber zu, ich weiß nicht, 97% oder 96% ähnelt die quasi dem SARS-CoV-2. Ist also der ähnlichste Vorläufer. In diesem Ding fehlt jetzt ausgerechnet diese perfekte Bindung der Rezeptorbindungsstelle, also das eine wichtigste Element fehlt und es fehlt auch diese Furinschnittstelle, sodass jetzt einige Fachleute gesagt haben, ja Moment mal, das wäre auch ein möglicher Ausgangskandidat, um da was einzubauen, damit das Gain-of-function, also sozusagen eine verbesserte Funktion hat, eine Zusatzfunktion bekommt. Und da eben dann die EcoHealth-Alliance, die Sie erwähnt haben, genau so ein Experiment geplant hatte, das ist dann später rausgekommen, mit dem Peter Daszak an der Spitze, zusammen mit den Leuten in Wuhan, hat man gesagt, na klar, die haben das dann später halt ohne den Daszak, oder ohne das Geld zumindest aus den USA gemacht und haben genau so diesen Klon hergestellt, der dann SARS-CoV-2 ist. Also daher gibt schon wissenschaftliche Argumente, die, muss man sagen, zeigen, wenn Sie so wollen, ein bisschen auf dieses Labor. Ausschließen würde ich, dass es einer freiwillig, absichtlich freigesetzt hat. Aber ein Laborunfall ist einfach aufgrund der Daten, die wir haben, gerade weil die Chinesen sonst nichts rausrücken, irgendwie eine mögliche Hypothese. Das muss man einfach sagen.

29:55

Jan Kröger

Kommen wir mal auf die zweite Hypothese zu sprechen, gehen quasi räumlich in die Nachbarschaft in Wuhan, schauen jetzt noch einmal genau auf den *Seafood Market* dort, auf diesen Markt, der dann auch geschlossen wurde. Zum natürlichen Ursprung gab es ja durchaus einige größere Studien, in den letzten zwei bis drei Jahren. Was spricht wissenschaftlich gesehen für diese These?

Alexander Kekulé

Das, was Sie ansprechen, ist diese Debatte, ich finde, die wird immer so ein bisschen neben der Sache geführt. Und zwar die Leute, die sagen: Nein, das war ein natürlicher Ursprung – oder andersherum, die sagen die chinesische Version stimmt, die sagen erstens, mit Peter

Daszak, Christian Drosten und anderen zusammen, die Chinesen lügen nicht. Also die sind der Meinung, dass man chinesischen Wissenschaftlern trauen kann. Ich muss sagen, ich habe Shi Zhengli auch einmal erlebt, die Leiterin von diesem Labor und... Die ist jetzt keine Freundin von mir, ich habe sie in einem Vortrag mal erlebt. Es ist schon jemand, man kann sich nicht vorstellen, dass die irgendwie quasi so ein Doktor-Mabuse-Geheimprojekt nebenbei hatte. Aber, es gibt ja auch andere Abteilungen. Da in Wuhan ist es so, die haben dieses Level-4-Sicherheitslabor, was z. T. unter militärischer Leitung steht. Und ich bin ziemlich sicher, das Shi Zhengli, die Leiterin von diesem Fledermausvirus-Labor, wenn ich mal so sagen darf, die ja zur Chinesischen Akademie der Wissenschaft, CAS, also Chinese Academy of Sciences gehört. Das ist ja eher so ein offener, auch mit der Welt verbundener Teil. Und möglicherweise wusste die gar nicht, was da los ist. Aber die Leute, die sagen natürlicher Ursprung, die sagen erstens mal – und das haben sie eben schon seit Februar 2020 gesagt – also diese Leute lügen nicht, man kann den Chinesen trauen. Das ist mal so der wichtigste Grundunterschied. Zweitens muss man sagen, für die natürliche Ursprungstheorie aus meiner Sicht, spricht, dass einfach genau das ja schon mal passiert ist. Also 2003 haben wir es ja schon mal gehabt, dass so ein Virus, und das ist damals ziemlich klar, also da ist jetzt nichts getürkt worden, da ist das Virus wirklich von so einem *Wet Market* auf den Menschen übergesprungen. Und da haben die Chinesen ja gesagt ja, ganz fürchterlich und wir schließen jetzt diese *Wet Markets*. Und dann kamen natürlich auch die Tierschützer wieder mal und haben gesagt, es geht ja sowieso gar nicht, dass man, was weiß ich, Hunde lebend verkauft und denen die Kehle durchschneidet, damit sie nicht so bellen und in eine Plastiktüte steckt, wo sie dann auf der Heimfahrt mit dem Fahrrad so langsam ausbluten, damit sie noch richtig frisch sind, am Küchentisch. Das ist natürlich etwas, was aus vielen Gründen abstößt und eben auch virologisch ganz fürchterlich ist, sofern es Hunde sind, nicht, aber das sind eben quasi alle möglichen Tiere, die da bei drei nicht auf dem Baum sind, die dann auf diesen Märkten verkauft werden und das sind eben auch Wildfänge dabei, die solche unbekanntem,

neuen Viren haben. Diese *Wet Markets* wurden geschlossen, nach 2003, offiziell gab es da Dekrete, aber alle Fachleute wussten, dass die spätestens zwei Jahre später wieder voll in Betrieb waren. Alles wie vorher, außer dass es inzwischen natürlich mehr Menschen gab und wahrscheinlich dann pro Kopf sogar mehr verkauft wurde, als vorher, sodass das einfach eine wahnsinnig wahrscheinliche Theorie ist. Also, dass das Gleiche passiert, noch mal. Wieso brauchen wir jetzt da die Labortheorie? Das Gleiche ist schon einmal passiert, hat auch schon mal grade bei einem Coronavirus zu einem Ausbruch geführt. Letztes Mal haben wir Glück gehabt, weil SARS-1 nicht so hoch ansteckend war. Bei SARS-2 hatten wir eben, aus welchen Gründen auch immer, welcher Zwischenwirt da vielleicht eine Rolle gespielt hat, eben Pech. Darum ist, dass es schon mal passiert ist, ein ganz wichtiges Argument, aus meiner Sicht eigentlich das stärkste Argument dafür, dass es ein natürlicher Ursprung gewesen sein sollte. Und dann ist es natürlich so, die Diskussion fokussiert sich auf diesen Markt. Das finde ich so ein bisschen, hatte ich schon gesagt, neben der Sache. Die Befürworter, oder die Gegner der Labortheorie beweisen dann immer, dass es bei diesem Markt einen ganz massiven Ausbruch gegeben hat. Auf merkwürdige Weise sind diese Umweltproben, wie gesagt, 580 oder so was sollten es gewesen sein, auf merkwürdige Weise wieder aufgetaucht. Da ist den Chinesen dann immer wieder gesagt worden, ich hatte das auch in meinem Buch geschrieben, dass das also ganz schrecklich ist, dass die verschwunden sind und auch da bitteschön Erklärungsbedarf besteht. Das war ja schon 2020, und das haben viele Kollegen dann wiederholt, solange, bis irgendwelche Schlauberger aus dem Internet Fragmente von DNA, von veröffentlichten Gensequenzen von diesem Virus gefunden haben, die möglicherweise aus Versehen öffentlich gemacht wurden, aber wieder eingesackt wurden. Also das ist quasi publiziert worden und wieder rückgängig gemacht worden. Und dadurch hat man gemerkt, aha, da gibt es also doch diese Proben. Und unter diesem Druck haben die Chinesen dann diese angeblichen Proben von dem Markt wiederveröffentlicht. Also haben die in dieser Datenbank, die es da gibt, wieder öffentlich und zugänglich gemacht. Und darauf stürzen sich natürlich dann

sofort alle und haben das ausgewertet. War auch ein bisschen unfair. Die Chinesen veröffentlichten das, und irgendwelche Arbeitsgruppen aus Frankreich haben dann angefangen, das auszuwerten und die Ergebnisse zu publizieren. Das würde natürlich keinem Wissenschaftler gefallen. Allerdings war das, weiß ich nicht, drei Jahre nach dem Ausbruch. Also, die haben das einfach jahrelang zurückgehalten, da glaube ich nichts mehr. Was die dann da ins Internet gestellt haben, keine Ahnung. Vielleicht ist das echt, vielleicht ist es nicht echt, woher die diese Sequenzen hatten. Und da wurde eben gesagt, von denen, die das ausgewertet haben, allen voran, gibt es einen Wissenschaftler aus Arizona, über den wir auch schon mal gesprochen haben, Michael Worobey, der ist eigentlich so Evolutionsbiologe, also aus einem ganz anderen Arbeitsgebiet, hat sich dann irgendwie aber in die Virologie verliebt, im Zusammenhang mit SARS-CoV-2. Und der hat eben dann nachgewiesen, eigentlich ganz plausibel, in mehreren Publikationen, dass es einen ganz massiven SARS-CoV-2-Ausbruch gegeben hat, bei diesem Markt. Und dass es auch Virusspuren an den Proben gab, die angeblich von Tierställen genommen wurden. Aber wenn Sie eine Probe, also so eine Sequenz im Internet haben, die jetzt SARS-CoV-2 zugeordnet wird, dann wissen Sie natürlich nicht, wo diese Probe gezogen wurde. Und dann müssen Sie den Chinesen wieder glauben, wenn die sagen, das war der Käfig Nummer 375. Und wo die Proben gezogen wurden, da war vom ersten Tag an Diskrepanz. Auch innerhalb Chinas gab es gegenseitige Vorwürfe. Eine Wissenschaftlerin aus Hongkong, damals konnten die eben noch etwas freier sprechen als heute, die hat eben ziemlich schnell gesagt: Nein, die meisten Proben waren nicht in dem Teil des Marktes, wo diese Ställe waren, die Leberdierställe, sondern die meisten Proben kamen aus der anderen Ecke des Marktes. Ich glaube, das war die Ostseite, wo die Kühlhäuser waren. Und die Kühlhäuser, das würde wieder dafür sprechen, dass es eher so ein Sekundärereignis war. So ähnlich, wie wir das auch in den fleischverarbeitenden Betrieben in Deutschland und anderswo auf der Welt hatten, sodass also nicht klar ist, wo die Proben herkamen. Aber wenn man glaubt, wo die Proben angeblich herkamen, dann kann man sagen, so wie Michael

Worobey das geschlussfolgert hat, dann gab es einen massiven Ausbruch auf diesen Markt, der unter anderem zu Virusspuren an Tierkäfigen geführt hat. Und dann haben Sie auch noch nachgewiesen, dass tatsächlich mindestens ein Marderhund auf diesen Markt gewesen sein muss, weil sie nämlich die DNA von diesem Marderhund dort gefunden haben. Und Marderhunde sind eine der typischen Verdächtigen, wo ja auch einige Virologen sagen, das könnte gut sein, dass das aus der Pelztierfarm von diesen Marderhunden mal gekommen ist, oder Ähnliches, die vielleicht dieses Virus ausgebrütet haben könnten, für den Menschen, dass es so ansteckend ist. Aber da sage ich jetzt mal: so what? Ich meine, dass so ein Marderhund auf diesem Markt war und verkauft wurde, das sagt gar nichts. In den Laboren waren natürlich auch Marderhunde. Das kann man an den Publikationen nachweisen. Aber daher ging es bei denen, die sagen, es muss ein natürlicher Ursprung sein, die haben immer nur bewiesen, der Markt war ein Ausbruchsgeschehen für dieses Virus um Weihnachten, kurz vor, kurz nach Weihnachten 2019. Und da würde ich sagen, es führt kein Weg da vorbei. Ja, das ist so. Aber es ist mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit nicht der Primärausbruch gewesen, sondern es gingen eben Infizierte ein und aus und haben sich an diesem Ort gegenseitig angesteckt.

38:08

Jan Kröger

Kommen wir vielleicht noch einmal ganz kurz zu einer heute etwas abseitigen Theorie. Die ist mir aufgefallen, in diesem WHO-Bericht. Es gab ja diese Kommission, die dann 2021 endlich nach China einreisen durfte, um den Ursprung zu untersuchen. Und da ging es eben neben der Laborthese und der natürlichen These nenne ich es jetzt mal verkürzt, noch um eine dritte, in diesem Bericht dann als möglich eingestufte Variante, nämlich Tiefkühlkost. Was hat es damit noch einmal auf sich? Das ist ein bisschen in Vergessenheit geraten.

Alexander Kekulé

Das ist tatsächlich ein lustiges Phänomen. Also, das muss man sich so vorstellen, also es gibt ja im Prinzip drei WHO-Kommissionen, die sich damit beschäftigt haben. Die erste war die *Joi-*

ned China WHO Commission, also die gemeinsame China-WHO-Kommission. Die ist von Anfang an tätig geworden, ganz am Anfang dieser Pandemie. Und das muss man sich so vorstellen, da ging es dann auch um die Frage, ob die WHO diesen internationalen Gesundheitsnotfall ausruft. Und das hat China ja blockiert, weil bei diesen Sitzungen – das ist in den Statuten so – sitzt immer aus dem betroffenen Land jemand mit dabei, in dem Fall eben aus China. Und dem chinesischen Vertreter zuliebe hat also Tedros, damals der WHO-Generalsekretär, gesagt, wir machen erst einmal keine *Public Health Emergency*. Was läuft da hinter den Kulissen? China sagt natürlich in so einem Fall ja, ihr könnt hier alles Mögliche erklären, aber dann kooperieren wir nicht mit euch, und wir wollen erst mal selber versuchen, das einzufangen. Und in diesem Zusammenhang ist eben ausgeteilt worden, dass das eben eine gemeinsame Kommission, nicht eine WHO-Kommission, sondern eine gemeinsame Kommission das untersucht und diese hochpolitisch aufgehängte Kommission – da sieht man mal, wie hilflos auch die WHO bei sowas ist – die hat dann das von Ihnen genannte amüsante Ergebnis gebracht, und zwar hieß das Ergebnis der ersten Untersuchung – was übrigens erst zwei Jahre später dann veröffentlicht wurde; ich glaube, es hat zwei Jahre gedauert, bis es dann rauskam – erstens, einen Laborursprung kann man fast mit Sicherheit ausschließen. Also das war schon das Wichtigste. Zweitens, sehr wahrscheinlich war es natürlichen Ursprungs, also vom Tier irgendwie auf den Menschen überggesprungen, was für China jetzt auch nicht so toll ist, weil das natürlich wieder auf diese *Wet Markets* und auf die Pelzzuchtfarmen usw. mit dem Finger zeigt. Das ist ja auch nichts, womit man sich jetzt schmücken kann, wenn es auf diese Weise quasi zur schwersten Pandemie seit langer Zeit gekommen ist. Und drittens ist eben gesagt worden, und das war natürlich der Wunsch der Chinesen, es ist auch nicht ausgeschlossen, dass es irgendwie über Tiefkühlware importiert wurde, weil das war eine der Hypothesen... Erst haben die Chinesen gesagt, es war irgendwie ein amerikanischer Geheimdienst oder amerikanisches Militär, dass uns das quasi ins Labor geschmissen hat, was ja schon mal komisch genug ist, oder auch vielleicht auf dem Markt

ausgesetzt oder so. Keine Ahnung, was die gemacht haben sollen. Und dann, nachdem man wahrscheinlich gemerkt hat, dass selbst im Inland – solche Hypothesen, solche Statements sind natürlich nie fürs Ausland; die wissen, das glaubt keine Sau im Ausland – in China, hat es offensichtlich auch nicht so richtig gezündet, diese Idee. Und deshalb ist man jetzt damit rübergekommen, dass man gesagt hat: Ja, das war Tiefkühlware. Da hat man zum einen dann eingeräumt, dass doch in dem Teil des Marktes eben positive Proben waren, wo – der heißt ja auch Seafood-Market, also Fisch und Seefrüchte und so was – die haben ja einen großen Teil, wo Kühlhäuser sind und wo Lachs und Ähnliches verarbeitet wurde. Und dann haben sie eben gesagt, auf diesem Lachs seien auch positive Signale gefunden worden, das einerseits eingeräumt, dass man also auf diesem Markt und nicht nur auf der Seite, wo die Tierkäfige waren, jetzt positive Proben hatte. Und im Zusammenhang hat man gleich gesagt, übrigens war da auch Importlachs dabei und wahrscheinlich ist das Ganze überhaupt mit tiefgefrorenem Lachs aus Europa oder aus sonstwo gekommen. Das war halt dann auch für das Inland eine ganz wichtige These, wo kein Fachmann der Welt eine Sekunde lang dran geglaubt hat, und ich denke, selbst Gao Fu, das wird der natürlich nie zugeben, aber der damalige Chef der chinesischen CDC hat keine Sekunde das geglaubt. Aber die Chinesen wollten natürlich, dass das ins Protokoll als Möglichkeit kommt, weil es im Inland einfach die offizielle These war, das Virus kommt gar nicht aus China, das ist aus dem Ausland importiert worden. Da sieht man, wie solche Berichte, sogenannten wissenschaftlichen Berichte zu sehen sind. Die zweite Kommission, ohne das jetzt lang auszuführen, ist ja dann bekanntlich angeführt worden von Peter Daszak, *himsel*, was natürlich auch eine schlechte Idee war, quasi da den Brandstifter zur Feuerwehr zu erklären. Und der wurde dann dahingeschickt. Zu dem Zeitpunkt war auch noch nicht so klar, wie der über die EcoHealth-Alliance verstrickt war, welche Beziehungen der da zu Wuhan hatte und auch dieser Antrag für diese Gain-of-function-Experimente war nicht so bekannt. Aber das ist leider so, dass die WHO da kein so glückliches Händchen hat, sage ich mal, bei dieser Besetzung dieser Kommission. Und einer der Gründe, wir haben ja schon über die

möglichen Reformen der WHO gesprochen, warum ich die Mindermeinung habe, dass es keinen Sinn hat, denen jetzt für Pandemieplanungen und Pandemieabwehr noch mehr Geld zu geben, sondern dass es besser wäre, das unabhängig von der WHO aufzuziehen. Und das ist der Bericht, von dem Sie gesprochen haben, reines Politikum. Diese Theorie ist völliger Unsinn.

43:25

Jan Kröger

Und wenn wir, vielleicht als Pointe dieses Themas, dann doch mal von China wegschauen, dann sind wir nicht mehr ganz beim Ursprung der Pandemie. Aber dann geht es natürlich um die Frage, wie konnte eben aus diesem Virus, das in Wuhan erstmals festgestellt wurde, diese weltweite Pandemie werden, die dann eben auch in den Jahren danach so viele Tote gefordert hat?

Alexander Kekulé

Das muss man sich so vorstellen: Am Anfang gab es ein Virus, der sogenannte Wuhan-Typ von SARS-CoV-2, das relativ schlecht eigentlich von Mensch zu Mensch gesprungen ist, deutlich besser, als das SARS-Virus von 2003. Aber es war noch mit konventionellen antiepidemischen Maßnahmen kontrollierbar. Sonst hätte China das ja nie hinbekommen, sowohl in einer 11-Millionen-Stadt, wie Wuhan das unter Kontrolle zu bringen. Wenn ich erinnern darf, damals war chinesisches Neujahrsfest, das ist irgendwie immer so, wenn da Ausbrüche sind, droht immer Neujahrsfest. Und in dem Fall war es so, dass angeblich von den 11 Millionen Bürgern, fast 5 Millionen gar nicht in der Stadt waren, als sie da den Lockdown gemacht haben. Das heißt, die haben das Virus schon in ganz China verbreitet. Und es gab ja auch von Anfang an hunderte und tausende Fälle, dann von SARS-CoV-2 außerhalb von Wuhan und der Region außenrum. Und diese Satelliten, ich sage mal Metastasen, die hat man alle in den Griff bekommen. Also China hat durch *Stamping-out*, wie man das nennt, quasi diese Einzelfälle dann gefunden, in Isolation gebracht und die waren dann weg. Das hätten die nie geschafft, mit dem jetzigen Omikron und auch nicht mit dem anderen Pandemievirus, was eigentlich dann die richtige Pandemie gemacht hat, sondern dieses Wuhan-Virus war zwar schon sehr

gut an den Menschen angepasst, sonst hätte es diesen ersten Riesenausbruch nicht gegeben, aber es war eben auch noch eine Vorstufe des eigentlichen Pandemievirus. Und die Lage wird noch ein bisschen interessanter: Was viele nicht wissen, es gab am Anfang zwei Typen von diesem Virus. Also man hat das dann sequenziert und festgestellt, das sind zwei verschiedene. Es gibt sozusagen den Typ A und den Typ B von diesem SARS-CoV-2. Und der Typ A, der zugleich aufgetreten ist, also der heißt nicht A, weil er vorher da war, der ist wieder von selber verschwunden. Also es gab wirklich Fälle von A, auch kleine Ausbrüche, es gab sogar im Ausland Fälle von dem A-Typ, von SARS-CoV-2, die eindeutig nachgewiesen wurden. Aber das Virus war irgendwie ein Rohrkrepierer. Das hat es nicht geschafft, irgendwie in China eine längere Infektionskette hinzukriegen. Und Typ B, der hat sich dann weiterentwickelt und weltweit auch dann schrittweise durchgesetzt. Übrigens daraus, dass man zwei Typen hatte, A und B, das ist auch für die Leute, die jetzt sagen, es kann nicht aus dem Labor gekommen sein, ein ganz starkes Argument, weil die sagen: Schaut mal her, zwei verschiedene Typen, relativ von Anfang an, das beweist doch, dass es zwei *Spill-Over-Events* gewesen sein müssen. Das heißt also, wie wir das auch von anderen Viren kennen. Bei HIV ist das z. B. bekannt, das Virus was AIDS machen kann, dass das mehrmals von Tieren auf den Menschen überggesprungen ist. Darum gibt es verschiedene HIV-Typen, die weltweit zirkulieren. Um da auch wieder ein Gegenargument zu bringen und zu zeigen, wie schwierig die Diskussion ist: Es könnte ohne Weiteres sein – das ist die Hypothese, die ich sozusagen favorisiere, aber es ist nur eine Hypothese – dass dieser A-Typ einfach überhaupt schon länger da war, dass es einfach wahrscheinlich in China schon länger einfach so corona-ähnliche Infektionen gab, die halt nicht so schwer waren, die nie so richtig ausgebrochen sind, weil es keine hochinfektiöse Variante war. Und möglicherweise gibt es ständig und überall in China irgendwelche Coronaviren, die kleine Ausbrüche machen, von mir aus in der Nähe dieser Fledermaushöhlen oder sonst wo, und ein Epiphänomen davon war wahrscheinlich dieser Typ A, der da vorhanden ist. Den hätte man nie gefunden, wenn der Typ B nicht diese Riesenausbrüche gemacht hätte. Nur, weil man nach

dem SARS-CoV-2 dann so intensiv gesucht hat, hat man diese Typ-A-Infektionen dann sozusagen da als Beifang noch mit im Netz gehabt. Ich glaube, dass das ein völlig unabhängiges Epiphänomen war, dieser Typ A, der da zeitweise aufgetreten ist, also deshalb auch nicht absolut gegen die Labortheorie spricht, weil wenn nur das B ausgesetzt wurde, würde das reichen. Und was ist dann passiert? Dieser erste Typ B, der dann der Vorläufer, der Ururgroßvater, der Pandemie ist, der ist interessanterweise auch nicht in der Lage gewesen, eine echte Pandemie zu machen, weil der nicht ansteckend genug war. Aber in Norditalien, und das war sozusagen dann der eigentliche Durchlauferhitzer dieser Pandemie, da ist es eben passiert, dass ein anderer Typ sich durchgesetzt hat. Man weiß nicht, ob die Mutation dort entstanden ist, aber der hat sich dort jedenfalls sozusagen durchgesetzt. Das ist der Typ B.1, der hat eine ganz bestimmte Mutation, die wir auch kennen, die ist damals auch beschrieben worden. Darum heißt der auch G-Typ, manchmal, weil da eine Aminosäure ausgetauscht wurde in ein G [Guanin, Anm.d.Red.]. Und dieser eine Typ, der hat eine Veränderung, die gar nicht in dieser Rezeptorbindungsdomäne ist, sondern ein bisschen weiter weg, aber auch im Spike-Protein, was dieses Ding wesentlich infektiöser macht, also schlagartig eine deutliche Verbesserung der Ausbreitung beim Menschen macht. Und da ist es eben so, dass... Dieser norditalienische Typ ist eigentlich der, der die Pandemie gemacht hat. Das war am Anfang heiß umstritten, muss man sagen, als ich das zum ersten Mal geäußert habe. Relativ zeitgleich, wo das beobachtet wurde, dann ja auch nach den Ausbrüchen in Norditalien gab es auch in der deutschen Virologenszene, muss ich sagen, massiven Widerstand. Ich bin auch persönlich damals vom Ehrenpräsident der Gesellschaft für Virologie, Herrn Fleckenstein, massiv dafür angegriffen worden, dass ich das erklärt habe. Die Chinesen liebten mich dafür bekanntlich, weil das dann hieß, da sagt jetzt ein europäischer Wissenschaftler auch, dass das Virus eigentlich aus Europa kommt, was natürlich nicht stimmt, sondern das Virus kam aus China. Aber es ist so, unterm Strich, wenn wir in Norditalien besser hingesehen hätten – und es ist ja bekannt, dass auch Ermittlungen geführt wurden, unter

anderem deshalb, gegen den italienischen Gesundheitsminister, weil er das am Anfang unterdrückt hat – hätte man vielleicht dieses Ausmaß der Pandemie noch verhindern können, weil die Italiener haben es ja tatsächlich geschafft, diese – da gibt es jetzt auch Studien, die das genauer inzwischen untersucht haben, also es ist völlig klar, inzwischen, dass diese Theorie stimmt, dass das aus Norditalien eigentlich in die Welt gegangen ist. Da hat man geguckt, was ist eigentlich mit dem Typ B dann passiert, in Norditalien? Den gab es nämlich auch am Anfang und sobald dann die weitere Variante davon, die heißt B.1, entstanden ist, war es so, dass das B schlagartig verdrängt wurde. Also das ist verschwunden von der Bildfläche, sodass man sagen muss, dieser Typ A ist ausgelaufen. Der Typ B hat auch weltweit immer mal wieder kleine Herde gemacht, hat es aber auch nicht geschafft, richtig eine Pandemie zu machen. Offensichtlich hat er ein ähnliches Schicksal genommen, wie SARS von 2003. Und jetzt gibt es diesen Typ B.1, der definitiv sich in Norditalien durchgesetzt hat, weil man dort eben lange das übersehen hat, dass da Tausende von Fällen waren und natürlich auch keine Gegenmaßnahmen ergriffen hat, dann auch auf Anweisung des Ministers bekanntlich die PCR-Untersuchungen nicht mehr gemacht wurden und von dort aus ist das Virus dann in die Welt gegangen, hat von dort aus eigentlich erst den Siegeszug angetreten. Das heißt, wir hatten mehrere Chancen eigentlich, die wir verpasst haben, das entweder zu stoppen oder zumindest erheblich abzubremesen. Und Zeit heißt natürlich in so einem Fall immer, mehr Zeit für die Impfstoffentwicklung.

51:03

Jan Kröger

Dann fassen wir das mal zum Schluss zusammen: Einmal die Thesen nach dem Ursprung, zunächst einmal, sind Sie optimistisch, dass wir das eines Tages wissen werden?

Alexander Kekulé

Ich glaube nicht dran, aber ich halte es nicht für ausgeschlossen, sagen wir mal so. Also das Problem ist schon lösbar. Was wir da machen müssten und wo ich glaube, dass die Chance besteht, das rauszukriegen, ist nicht durch weitere Untersuchungen. Also da ist irgendwie das Land verbrannt. Aber es ist so, ich sehe eine

Chance an folgender Stelle: Das Virus selber kann man sozusagen in den Zeugenstand rufen, wir können ja durch genetische Analysen Stammbäume machen von den Viren. Und dann kann man ganz gut zurückverfolgen, wie lange es die Viren schon gibt. Und da ist z. B. völlig klar, dass es dieses Virus schon gab, bevor der Marktausbruch in Wuhan war. Das kann man anhand des Stammbaums zeigen, dass es auf jeden Fall im November 2019 in China schon Vorläufer gegeben haben muss. Das heißt, diese ganze Diskussion um den Markt ist völliger Quatsch, weil das ist auf jeden Fall ein Sekundär-Event gewesen, es ist auch Unsinn, sich drüber zu unterhalten, was mit den drei Wissenschaftlern ist, die da grippeähnliche Symptome hatten, weil eben auch das viel zu spät ist. Also das Urereignis muss früher gewesen sein und deshalb egal, ob das jetzt ein Laborunfall war oder irgendetwas, wo es aus der Natur gekommen ist, wahrscheinlich ein, zwei Monate vor diesem Ereignis von dem Markt gewesen. Und da kann uns vielleicht sogar die künstliche Intelligenz helfen, kann man mit Computeranalysen rauskriegen, sozusagen genetisches Engineering rückwärts machen, am Computer und versuchen, rauszukriegen, wie muss das Ursprungsvirus eigentlich ausgesehen haben, was der Urvater von dem Ganzen war? So ähnlich, wie man das auch in der Forschung macht, wenn man in der Archäologie wissen will, rekonstruieren will, wie die Vorläufer irgendwelcher Hominiden ausgesehen haben, so kann man das in der Virologie auch und kann man das immer besser, weil man SARS-CoV-2 inzwischen versteht, weiß, wie schnell sich das mutiert, mit welchen Arten von Mutationen man rechnen muss. Da gibt es verschiedene Sorten von Mutationen, die man berücksichtigen muss. Und deshalb glaube ich, das ist die einzige Chance, wo wir möglicherweise rauskriegen, wie das Ursprungsvirus ausgesehen hat. Und wenn man das rauskriegt, kann man möglicherweise anhand dieses Virus dann auch eine ganz gute Schätzung machen, in welchem Tier das gewesen sein muss. Und wenn man dann natürlich feststellt, also so wie dieses Ursprungsvirus aussieht, passt es einfach zu keinem bekannten Säugetier, das wäre der Moment, wo man wieder mit dem Zeigefinger aufs Labor zeigen muss. Aber ich würde eher annehmen, dass man durch entsprechende, mit künstlicher Intelligenz gestützten

Analysen rauskriegt, in welchem Säugetier der Urvater dieser Pandemie sozusagen virologisch gesehen, gelebt hat.

Jan Kröger

Und welche Konsequenzen sollte man politisch oder zumindest gesundheitspolitisch daraus ziehen?

Alexander Kekulé

Ja, eben das eine, politisch muss man natürlich schon antreiben, dass man nach diesem Virus Zero sozusagen, nicht Patient Zero, den wird man nicht kriegen, aber das Virus Zero, dass man danach sucht, vielleicht auch in Rückstellproben. Die zweite Chance, die man hat, ist ja, überall auf der Welt in den Laboren, haben wir aus der Zeit damals – und das sind die zwei Monate vor Weihnachten 2019, um die es nur gehen kann – noch irgendwelche eingefrorenen Proben. Und das müsste ja eigentlich mit dem Teufel zugehen, wenn nicht irgendjemand aus China mal ausgereist ist und dieses Virus dabei hatte und dann irgendwo in einem internationalen Krankenhaus, ihm Blut abgenommen wurde. Und deshalb meine ich, das müssten wir wirklich sehr, sehr gründlich machen, bevor es zu spät ist, dass wir mal schauen, ob wir da so den Prototyp des Virus finden, weil die Chinesen machen es nicht, oder wenn sie es machen, geben sie uns die Daten nicht. In die Zukunft blickend heißt es natürlich letztlich ganz klar, wir müssen mindestens zwei Hypothesen für die nächste Pandemie in Betracht ziehen, und die ganze Diskussion zeigt, es kann aus dem Labor gekommen sein. Das ist eine total realistische Möglichkeit. Man könnte sogar sagen, wenn man es jetzt so als Krimi aufzieht, die Beweislage geht eigentlich im Moment zu Lasten des Labors, weil wir für das andere ja nun überhaupt keine konkreten Belege haben, weil auch alle Tiere getötet wurden. Übrigens auch die ganzen Pelztierfarmen im Umkreis wurden gekeult. Und auch da gibt es angeblich keine einzige Probe. Das heißt, es könnte aus dem Labor gekommen sein. Und was heißt das? Wir müssen zwei Sachen machen. Erstens, solche *Gain-function*-Experimente, die man ja da macht, also die Viren oder Krankheitserreger gefährlicher machen, die müssen wir einfach international stärker überwachen und kontrollieren. Das muss transparent sein.

Es kann nicht sein, dass irgendwo Wissenschaftler, auch wenn sie es gut meinen, zusammensitzen und irgendetwas machen, was Millionen Tote fordert oder vielleicht die Menschheit auslöscht. Das ist ja auch nicht auszuschließen. Und da muss ich einfach sagen, da muss die Politik sich zusammenraufen und muss man einfach sagen, an der Stelle brauchen wir eine Zusammenarbeit, dass klar ist, wie so etwas kontrolliert wird, also solche *Gain-of-function*-Experimente. Und natürlich dann auch die allgemeine Sicherheit in Laboren. Auch ohne solche Experimente, gibt es natürlich hochgefährliche Erreger. Und wenn man annimmt, dass die selbst aus so einem Sicherheitslabor rauskommen können, wieso sollte es nur in China passieren? Also das könnte auch irgendein deutsches Labor sein. Und da will ich jetzt nicht aus der Schule plaudern, aber mal so pauschal sagen, also die Sicherheit gegenüber Diebstahl oder gegenüber versehentlicher Freisetzung in deutschen Laboren ist auch nicht so super toll. Da könnte man auch noch einiges machen. Habe ich auch seit Jahrzehnten angemahnt, dass man da Verbesserungen braucht. Und das Andere ist, die Frage: Es ist ja, wie auch immer, ein Spill-Over gewesen. Also es war eine Fledermaus, und dass das quasi von den Fledermäusen wie auch immer über das Labor oder auf einem anderen Weg quasi in die Menschheit kommt, das heißt, wir machen da was falsch, im Zusammenleben mit der Natur. In dieser Natur leben einfach gefährliche Viren, auch welche, die viel gefährlicher sind als das, was jetzt die Pandemie gemacht hat. Und es gibt ja Ansätze, die heißen *One Health*, also, dass man sagt, es gibt quasi so eine „Weltgesundheit“ von der Natur, von den Tieren, vom Menschen, die man insgesamt betrachten muss. Und gerade im Blick auf solche Pandemien, ist es natürlich notwendig, dass man dafür sorgt, dass diese Lebensräume von so Tieren, die gefährliche Viren haben, dass die eben in Ruhe gelassen werden. Das hat keinen Sinn, wenn man da irgendwie die aus ihren Biotopen vertreibt oder eben dann engen Kontakt herstellt, dass so eine Fledermaus quasi in den Schweinetrog reinmacht, wo dann das Schwein das frisst und hinterher auch infiziert wird und Ähnliches. Und das letzte, was wir natürlich machen müssen, das ist völlig klar, also auch, wenn das den Politi-

kern nicht schmeckt: Wir müssen unsere Reaktion auf Pandemien verbessern, weil trotz allem, trotz aller Prävention, es wird die nächste Pandemie kommen. Und wir haben weltweit lausig reagiert. Vor allem müssen sich da die Länder an die Nase fassen, die eigentlich die besten technischen Möglichkeiten hatten. Ich habe das Beispiel Norditalien und Europa gesagt. Von hier aus ist eigentlich die Pandemie in die Welt gegangen. Und dass man das hier nicht gebremst hat, das ist eigentlich ganz fürchterlich und, ich habe es gesagt, früher wurde man dafür angegriffen, wenn man das gesagt hat, aber inzwischen ist es wissenschaftlich bewiesen, und daraus muss man Konsequenzen ziehen. Da müssen Politiker sagen jawohl, wir haben das verstanden, dass wir auch eine Teilschuld tragen, an diesem Problem. Es ist nicht nur ein *Chinese Virus* und wir hätten an wichtigen Stellen was machen können. Wir hatten schneller reagieren können, bis hin zu den Feinheiten bei der Gegenwehr. Das ist ja bekannt, dass wir in Deutschland z. T. zu spät, aber z. T. auch ganz massiv überreagiert haben. Ich glaube da, trotz aller anderen Probleme, die politisch im Raum stehen, dürfen wir nicht vergessen, unsere Hausaufgaben zu machen.

58:43

Jan Kröger

Zum Abschluss komme ich noch zur Frage, exemplarisch, muss ich sagen von Paul T., denn er ist einer von vielen, die geschrieben haben: *Sehr geehrter Herr Kekulé, haben Sie von der Studie gehört, die zeigt, dass es große Unterschiede in der Anzahl der Impfkomplicationen bei Pfizer gab, je nachdem, welche Batches, also Chargen der Impfstoffe verabreicht wurden?* Herr T. liest es z. B. so: *4,1% der Chargen sorgten für 71% der Komplikationen, geht zurück auf eine dänische Arbeit. Ich würde mich freuen, schreibt Herr T. noch, wenn Sie das aufgreifen und ihre Relevanz erklären könnten.*

Alexander Kekulé

Ja, das kann man kurz machen. Die Studie ist natürlich viel diskutiert worden. Die haben in Dänemark sehr seriös, also das *Serum Institut* dort ist also ein sehr seriöses Institut. Die haben quasi von Dezember 2020 bis Januar 2022 ausgewertet, welchen Chargen sind denn ei-

gentlich die gemeldeten Nebenwirkungen zuzuordnen? Das kann man in vielen Ländern gar nicht machen, weil das in vielen Ländern gar nicht aufgelistet ist, welche Produktionschargen das waren. Der Impfstoff wird ja nicht auf einmal hergestellt, sondern in sogenannten Batches hergestellt, also gibt es einen Produktionsprozess, gibt es eine Chargennummer und das wird dann verimpft. Da hatten sie fast 62.000 zu den Batches, oder zu den Chargen zugeordnete Nebenwirkungen, gemeldete Nebenwirkungen, davon 14.000 schwere und 580 ungefähr Todesfälle. Das heißt also die hatten schon eine große Zahl von Nebenwirkungen und eine sehr, sehr große Zahl von Impfstoffen natürlich. Und insgesamt waren es 52 Chargen, die in Dänemark verimpft wurden. Ziemlich wenig natürlich, weil es ein kleines Land ist und da haben sie eben genau, was da gerade gesagt wurde, festgestellt. Und das ist ein Phänomen, das es eine Häufung von Nebenwirkungen, von gemeldeten Nebenwirkungen bei bestimmten Chargen gab. Da muss man jetzt zunächst die Frage stellen, kann es sein, dass da irgendwelche *Confounder* da im am Werke waren, also irgendwelche Störfaktoren? Ich sage mal, z. B. dass bestimmte Chargen bei bestimmten Patienten verimpft wurden, das ist bei so einem kleinen Land nicht auszuschließen, dass man vielleicht bei Leuten, die nur in Altersheimen waren, bestimmte Chargen genommen hat, oder dass die zeitlich nacheinander so geimpft wurden, das die Nebenwirkungen damit korrelieren, manche Leute melden sich ja schneller, wenn sie irgendwo einen dicken Arm haben und andere nicht so schnell und dass vielleicht irgendwie durch die Zuordnung der Chargen zu den Impfungen erklärbar wäre. Solche *Confounder* versuchen solche Studien natürlich immer auszuschließen, aber man muss sehr genau prüfen, ob so etwas eine Rolle gespielt hat. Die Autoren gehen davon aus, dass es keine Rolle gespielt hat. Ich sage jetzt mal, ich glaube erst mal den Autoren aufs Erste, und deshalb muss man sagen, das ist ein bedenkliches Ergebnis. Weil das muss man sich ja klarmachen, das sind gemeldete Nebenwirkungen und nicht die, die schon sozusagen dann in der Nachuntersuchung wirklich als kausal zugeordnet wurden. Also wir sagen ja immer, eine mögliche Nebenwirkung ist ja noch keine wirkliche Nebenwirkung, sondern das ist einfach nur verdächtig. Und dass diese

verdächtigsten, irgendwie abhängig von der Charge sind. Was bedeutet das? Wenn das Ergebnis stimmt, dann ist ein großer Teil dieser möglichen Nebenwirkungen eine echte Nebenwirkung. Das ist mal die echte erste Konsequenz, die man sehen muss, weil wenn sie sozusagen nur eine zufällige Korrelation haben, ohne Kausalität, die man ja immer behauptet und annimmt, wenn man sagt, na gut, da sind 20.000 gemeldet, aber wir wissen ja nicht, ob es kausal war. Und dann fängt man an zu rechnen, sind die gemeldeten irgendwie häufiger, als der Durchschnitt der Bevölkerung? Also, was weiß ich, bei Herzmuskelentzündungen: Kommen die nach den Impfungen häufiger vor als bei anderen, die nicht geimpft sind? Diese ganzen Untersuchungen kommen ja erst hintendran. Aber wenn sie schon vorne bei der ersten Meldung, die noch gar nicht kausal ist, eine Abhängigkeit von der Charge haben, dann heißt es eigentlich, es muss kausal sein. Also dann ist es kausal, und zwar ein Großteil dieser Nebenwirkungen, sonst würden Sie keine Unterschiede sehen. Das, was man erwartet, ist, das man absolut keine Unterschiede bei den Chargen sieht. Das ist die eine Konsequenz, die irgendwie so ein bisschen, sag ich mal, nachdenklich macht, der man nachgehen muss. Und die zweite Konsequenz ist, dass man sagen muss, okay, dann muss ich aber eigentlich jetzt eine chargenspezifische Auswertung machen, weil jeder, der geimpft wird, will doch wissen wie hoch ist die Nebenwirkungsrate? Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass ich eine, zumindest bei den schweren Nebenwirkungen, eine schwere Nebenwirkung bekomme? Und wenn ich jetzt weiß, das hängt ganz massiv davon ab, welche Charge ich bekomme, dann möchte ich wissen, wie hoch ist die Nebenwirkungsrate in der Charge, die ich kriege? Das heißt also, man muss eigentlich dann, wenn es stimmt, die ganze Geschichte neu schreiben, was diese Mittelwerte von Nebenwirkungen betrifft, weil ganz klar ist, wenn Sie sehr, sehr viele Einzelimpfungen haben und ein paar schlechte Chargen dazwischen, dann ist klar, dass Sie natürlich die negativen Effekte dieser schlechten Charge rausverdünnen. Und das hilft aber den Patienten nicht, die die dann bekommen haben und die Nebenwirkungen haben. Also, da muss man was tun. Und das Dritte ist natürlich, wenn das stimmt, einen

Riesenfingerzeig da jetzt zur Europäischen Arzneimittel-Agentur, weil, die hat das ja zugelassen. Und da haben wir im Podcast schon mehrfach besprochen, es gab Probleme bei der Chargenkontrolle. Genau bei dem Thema. Da haben wir darüber gesprochen, über die Schwierigkeit, dass man Lipide hier drinnen hat, solche Fette hat, die ganz schwierig zu quantifizieren sind, wo auch bei der Produktion es echt schwer ist, immer genau das Gleiche herzustellen, die Lösungsmittel rauszukriegen, die man da braucht, und Ähnliches. Das wissen die Fachleute natürlich. Und dass man auch bei diesem messengerRNA-Inhalt, der da drinnen ist, die Quantifizierung und die biologische Wirksamkeit dieser einzelnen Chargen ganz schwer wirklich standardisieren kann. Und da gab es ja, erinnere ich mal daran, von der Europäischen Arzneimittel-Agentur eine lange To-do-Liste für die Hersteller, wo man gesagt hat, ihr habt eine vorläufige Zulassung, und wir wollen im Rahmen dieser vorläufigen Zulassung noch, dass ihr das und das und das verbessert. Und da ging es fast ausschließlich um solche Qualitätskontrollen bezüglich der Gleichheit der Chargen, der gleichen Wirksamkeit usw. Und da war eine lange To-do-Liste für die Hersteller, das auf den Tisch zu legen. Und ich hatte ja damals geäußert, dass ich mich gewundert habe, dass man eigentlich ohne diese Liste irgendwie dann abgearbeitet zu haben, die endgültige Zulassung rausgegeben hat. Das scheint jetzt, wenn das stimmt, was in dieser Studie dargestellt wird – das muss jetzt noch mal bestätigt werden durch andere Studien – das scheint der EMA jetzt auf die Füße zu fallen, dass sie eben dann nicht darauf bestanden hat, dass diese Qualitätskontrollen dann wirklich nachgewiesen werden, die sie selber ja gefordert hat, und wo dann plötzlich die Forderungen im Sande verlaufen ist, als man dann der FDA, der amerikanischen Behörde folgend, ruckizucki die endgültige Zulassung gegeben hat, also da ist jetzt eine lange To-do-Liste da. Aber der erste Schritt, möchte ich daran erinnern, bei dieser To-do-Liste ist wirklich erst mal zu überprüfen. Das war jetzt *eine* Studie. Glaube niemals einer einzigen Statistik, ist ein alter Witz, außer du hast sie selbst gefälscht. Man muss also diese *eine* Studie jetzt erst mal abwarten. Wie sieht es mit den möglichen *Confoundern* aus? Wie sehen weitere Studien aus?

Und das muss man jetzt aktiv machen, chargenspezifisch nachschauen, wie ist es mit den Nebenwirkungen? Ist das bestätigt, dass es in unterschiedlichen Chargen unterschiedliche gemeldete allgemeine Nebenwirkungsvorzeichen gab? Und wenn das so ist, dann hat es die genannten Konsequenzen, die natürlich bitter werden.

Jan Kröger

Wir kommen so langsam zum Ende unserer heutigen Folge. Es ist die letzte Folge vor der Sommerpause von Kekulés Corona-Kompass. Kleine Vorschau schon mal, die nächste Folge gibt es am 14. September. Ich persönlich habe jetzt in der letzten Stunde wieder festgestellt, dass es immer noch sehr viele offene Fragen gibt, rund um Corona, dass es sich lohnt, weiterzumachen ab September wie sehen Sie persönlich das? Wo werden wir so im September sein? Was werden so die Fragen dann nach dem Sommer sein?

Alexander Kekulé

Also ich hoffe, dass wir uns nicht mit einer neuen Virusvariante beschäftigen müssen. Meine Hoffnung ist wirklich, dass mit Omikron einfach der Deckel drauf ist, und wir nur noch Subvarianten von Omikron haben. Wissenschaftlich gesehen, ist das wichtigste Thema eigentlich Long Covid, muss man sagen, das ist ultra-spannend. Im Moment ist das erste Gen, auch so ein kleiner Teaser für den Herbst, identifiziert worden, was offensichtlich assoziiert ist, mit einer Neigung, Long Covid zu bekommen, nach Veranlagung. Und da wird sich einiges tun. Da erwarte ich auch in der nächsten Zeit therapeutische Ansätze, dass man da was machen kann. Und das andere ist die große Frage, was bringt die Impfung noch bei einer Bevölkerung, die insgesamt jetzt eine gewisse Immunität zusätzlich, auch würde ich fast sagen, eine psychische Immunität gegenüber dem Virus hat, also eine gewisse Gleichgültigkeit, hätte ich fast gesagt, was bringt da die Impfung? Braucht man die noch? Wer braucht die noch? Und wie kann man vielleicht die Impfstoffe verbessern, damit sie eben einen Effekt haben und man nicht so oft diese Ansage hört, Mensch, ich bin doch dreifach geimpft. Jetzt bin ich trotzdem so schwer krank mit Omikron. So etwas hört man ja oft. Oder Leute, die dann Long Covid haben, obwohl sie

voll geimpft waren oder nach der zweiten Infektion erst Long-Covid bekommen, oder Ähnliches. Also an dieser Front, glaube ich, wird noch Einiges passieren. Und dann werden wir unser Verständnis noch erheblich vertiefen.

Jan Kröger

Damit sind wir am Ende der 353. Ausgabe von Kekulés Corona-Kompass. Vielen Dank, Herr Kekulé. Den nächsten Corona-Kompass dann also nach der Sommerpause am 14. September. Aber am nächsten Donnerstag gibt es noch einmal Kekulés Gesundheits-Kompass, dann allerdings mit meiner Kollegin Susanne Böttcher. Vielen Dank also, für heute und von mir aus schon mal einen schönen Sommer, Herr Kekulé!

Alexander Kekulé

Ja, das wünsche ich Ihnen auch! Einer geht noch. Bis dann, tschüss!

Jan Kröger

Wenn Sie eine Frage haben, dann schreiben Sie uns an mdraktuell-podcast@mdr.de oder rufen Sie uns an, kostenlos unter 0800 322 00. Kekulés Corona-Kompass gibt es als ausführlichen Podcast in der App der ARD-Audiothek und überall sonst, wo es Podcasts gibt und wer das eine oder andere Thema noch einmal vertiefen möchte. Alle wichtigen Links zur Sendung und alle Folgen zum Nachlesen finden Sie unter jeder Folge unter Audio und Radio auf mdr.de.

MDR Aktuell: „Kekulés Corona-Kompass“